



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Ciencias Biológicas
Escuela Académico Profesional de Ciencias Biológicas

**Análisis genético poblacional en llamas *Lama glama*
(Linnaeus, 1758) de la región Puno utilizando la región
control del ADN mitocondrial**

TESIS

Para optar el Título Profesional de Biólogo con mención en
Zoología

AUTOR

Orson Antero MESTANZA MILLONES

ASESOR

Rina Lastenia RAMÍREZ MESÍAS

Lima, Perú

2014

RESUMEN

Se evaluó la diversidad genética en las poblaciones de *Lama glama* (llama) en las Regiones de Puno y Cuzco, para conocer la variabilidad genética contenida en el Banco de Germoplasma de la Estación Experimental (E. E.) Quimsachata – Puno, del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) creada hace 25 años por el gobierno peruano, para consolidar los planes de manejo y conservación. La extracción del material genético se realizó a partir de muestras de folículos pilosos en animales pertenecientes a los pequeños y medianos productores de llamas de las provincias de Melgar, El Collao, Chicuito y Lampa en la Región Puno; asimismo, Quispicanchi, Canchis y Espinar en la Región Cuzco. Se analizó el dominio hipervariable I de la región control del ADN mitocondrial de 282 individuos por PCR. Los productos de la amplificación fueron secuenciados y analizados a nivel intraespecífico, poblacional y filogenético.

Se identificaron 29 haplotipos a partir de las secuencias analizadas. Las poblaciones presentaron alta diversidad genética y haplotípica, y sus distancias genéticas pequeñas. El análisis de la red de haplotipos mostró que las poblaciones de llamas comparten linajes maternos con guanacos, vicuñas y alpacas. Es una población con historia demográfica estable, producto de su origen múltiple de las diversas subespecies de camélidos. Y en la E. E. Quimsachata se conservan los linajes maternos más frecuentes, ampliamente distribuidos y los compartidos con guanacos, vicuñas y alpacas. Los análisis de estructuración poblacional revelaron que no existe estructuración geográfica y no hay correlación geográfica con la composición genética. Además, a nivel de variedad se hace evidente la ausencia de estructuración genética, y el fuerte efecto de hibridación. Sin embargo, la gran diversidad genética contenida en las Regiones de Puno y Cuzco, y los catorce nuevos linajes maternos encontrados, convierte estas regiones en lugares potenciales para la conservación y diseño de futuros planes de manejo genético para la especie.

ABSTRACT

We assessed genetic diversity in populations of *Lama glama* (llama) in the regions of Puno and Cuzco, for genetic variability contained in the Germplasm Bank Experimental Station (EE) Quimsachata - Puno, the National Institute of Agricultural Innovation (INIA) created 25 years ago by the Peruvian government to consolidate the management and conservation plans. The extraction of the genetic material was made from samples of hair follicles in animals of small and medium producers from provinces Melgar, El Collao, and Lampa, Chicuito in Puno region, also Quispicanchi, Canchis and Espinar the Cuzco region. The hypervariable domain I of the Control region of mtDNA of 282 individuals was analyzed by PCR. The amplification products were sequenced and analyzed intraspecific, population and phylogenetic level.

29 haplotypes were identified from the sequences analyzed. The populations showed high genetic and haplotype diversity, genetic distances between populations are small. The network analysis of haplotypes showed that populations of llamas have maternal lineages share guanacos, vicuña and alpaca. It is a population with stable demographic history, product of its multiple origins of the various subspecies of camelids. And the most frequent, widely distributed and share of guanacos, vicuñas and alpacas are preserved in E.E. Quimsachata. The population structure analysis revealed that there is no geographical structuring and geographic correlation with pool genetic. Furthermore, level of variety of llama the absence of genetic structuring is evident, and the strong effect of hybridization. However, the high genetic diversity contained in the regions of Puno and Cuzco and the new maternal lineages found converts to areas at potential sites for conservation and design of genetic management plans for the species in the future.